

Weekly epidemiological record

Relevé épidémiologique hebdomadaire

7 OCTOBER 2005, 80th YEAR / 7 OCTOBRE 2005, 80^e ANNÉE

No. 40, 2005, 80, 341–352

<http://www.who.int/wer>

Contents

- 341 Outbreak news
- 342 Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2006 influenza season
- 347 New genotype of measles virus and update on global distribution of measles genotypes
- 351 Immunization maintains strong progress achieved in past quarter century
- 352 International Health Regulations

Sommaire

- 341 Le point sur les épidémies
- 342 Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison 2006
- 346 Nouveau génotype de virus rougeoleux et actualisation la répartition mondiale des génotypes de virus rougeoleux
- 351 Maintien des grands progrès de la vaccination depuis un quart de siècle
- 352 Règlement sanitaire international

★ OUTBREAK NEWS

Avian influenza, Indonesia – update¹

On 29 September 2005, the Ministry of Health in Indonesia confirmed another fatal human case of H5N1 avian influenza. The patient, a 27-year-old woman from Jakarta, developed symptoms on 17 September, was hospitalized on 19 September and died on 26 September. Confirmatory testing was conducted at a WHO reference laboratory in Hong Kong Special Administrative Region of China.

Initial investigation revealed that the woman had direct contact with diseased and dying chickens in her household shortly before the onset of illness.

The woman is the fourth patient in Indonesia with laboratory-confirmed of H5N1 infection. Three of these cases were fatal.

As a result of intensified surveillance and heightened public concern, growing numbers of people with respiratory symptoms or possible exposure to the virus are being admitted to hospital for observation and, when appropriate, treatment. Until a conclusive diagnosis is made, these patients are classified by the Ministry of Health as suspect cases. While many do not have symptoms compatible with a diagnosis of H5N1 infection, screening of patients' samples is being undertaken in national laboratories as part of the effort to ensure that no new cases are missed.

Laboratory testing to confirm human infection with H5N1 avian influenza is technically difficult, some tests produce inconclusive or unreliable results. To ensure that reliable assessment of the situation in Indonesia is being made, authorities are, after the initial screening, continuing to send samples

★ LE POINT SUR LES ÉPIDÉMIES

Grippe aviaire, Indonésie – mise à jour¹

Le 29 septembre 2005, le Ministère indonésien de la Santé a confirmé un nouveau cas humain mortel de grippe aviaire à H5N1. La patiente, une femme de 27 ans qui vivait à Djakarta, a présenté les symptômes le 17 septembre, a été hospitalisée le 19 et elle est décédée le 26 septembre. Des tests de confirmation ont été effectués au laboratoire OMS de référence à Hong Kong, Région administrative de la Chine.

De premières investigations ont révélé que cette femme avait été en contact direct avec des poulets malades et mourants chez elle, peu avant l'apparition de la maladie.

Il s'agit du quatrième cas confirmé en laboratoire d'infection à H5N1 en Indonésie. Trois de ces cas se sont avérés mortels.

Du fait de l'intensification de la surveillance et d'une inquiétude accrue de l'opinion publique, un nombre croissant de personnes présentant des symptômes respiratoires ou ayant pu être exposées au virus sont hospitalisées pour observation et, le cas échéant, reçoivent un traitement. Tant qu'un diagnostic concluant n'a pas été posé, ces patients sont considérés par le Ministère de la Santé comme des cas présumés. Si beaucoup ne présentent pas de symptômes compatibles avec le diagnostic de l'infection à H5N1, les échantillons prélevés sur ces patients sont analysés dans les laboratoires nationaux, dans le cadre des efforts déployés afin qu'aucun cas n'échappe à la vigilance des autorités.

Les tests de laboratoire destinés à confirmer l'infection humaine par le virus de la grippe aviaire H5N1 sont techniquement difficile; certains donnant des résultats non concluants ou peu fiables. Afin d'évaluer de manière fiable la situation en Indonésie, les autorités continuent, après les premières analyses pratiquées dans le

**WORLD HEALTH
ORGANIZATION
Geneva**

**ORGANISATION MONDIALE
DE LA SANTÉ
Genève**

Annual subscription / Abonnement annuel

Sw. fr. / Fr. s. 334.–

5.000 10.2005

ISSN 0049-8114

Printed in Switzerland

¹ See No. 38, 2005, p. 321.

¹ Voir N° 38, 2005, p. 321.

from people considered likely to have H5N1 infection to WHO reference laboratories for diagnostic confirmation.

According to the Food and Agriculture Organization of the United Nations, highly pathogenic H5N1 avian influenza is now endemic in poultry in many parts of Indonesia. Since influenza virus activity in Indonesia may increase during the wet season, which lasts from November to April, human exposure to animal virus may be greater during the coming months. Further sporadic human cases are anticipated.

Poliomyelitis, Indonesia – update¹

Eleven new poliovirus cases were confirmed on 30 September 2005 from Banten, Central Java and Lampung provinces. This brings the total number of poliovirus cases to 251.

Central Java and Lampung provinces were not included in two emergency vaccination campaigns held on 31 May and 28 June. The first round of the national immunization days was held on 30 August; the second round was conducted on 27 September. Each round targeted 24.4 million children aged under 5 years throughout the country.

Prior to this outbreak (caused by importation of type 1 wild poliovirus), Indonesia had not had a wild poliovirus case since 1995. ■

¹ See No. 35, 2005, p. 299.

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2006 influenza season

This recommendation relates to the composition of vaccines for the forthcoming winter in the southern hemisphere (May–October 2006). A recommendation will be made in February 2006 relating to vaccines that will be used for winter in the northern hemisphere (November 2006–April 2007). Epidemiological considerations will influence which recommendation (September 2005 or February 2006) is more appropriate for countries in equatorial regions.

Influenza activity February–September 2005

Between February and September 2005, influenza activity was reported in Africa, the Americas, Asia, Europe and Oceania.

In the northern hemisphere, influenza A(H3N2) viruses predominated and caused the most outbreaks, including a severe and long-lasting outbreak in China, Hong Kong Special Administrative Region (SAR), which occurred from March to June. Influenza B viruses circulated widely and caused outbreaks in several countries in Africa, Asia and eastern Europe. Influenza A(H1N1) viruses circulated to a lesser extent and caused outbreaks in a few countries in eastern Europe and central Asia between February and April.

In the southern hemisphere, influenza activity began in April and increased during May in Oceania and during June in South America. In Oceania and South America, influenza A(H3N2) and B viruses co-circulated and caused several outbreaks, including an epidemic of influenza B in

pays, à envoyer les échantillons prélevés sur des personnes présument atteintes d'une infection à H5N1 aux laboratoires de référence de l'OMS pour confirmation du diagnostic.

Selon l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture, la grippe aviaire à H5N1 hautement pathogène est désormais endémique chez les volailles dans de nombreuses régions d'Indonésie. L'activité du virus grippal en Indonésie étant susceptible d'augmenter au cours de la saison humide, qui dure de novembre à avril, l'exposition humaine au virus animal pourrait être plus importante au cours des prochains mois. On peut s'attendre à de nouveaux cas humains sporadiques.

Poliomyélite, Indonésie – mise à jour¹

Au 30 septembre, 11 nouveaux cas avaient été notifiés par les provinces de Banten, Java-Centre et Lampung, ce qui porte le nombre total de cas à 251.

Les provinces de Java-Centre et Lampung n'ont pas été couvertes par les deux campagnes de vaccination d'urgence organisées le 31 mai et le 28 juin. La première tournée des journées nationales de vaccination a été organisée le 30 août, la deuxième le 27 septembre. Chacune d'elle ciblait les 24,4 millions d'enfants de moins de 5 ans que compte l'ensemble du pays.

Avant cette flambée (due à l'importation d'un poliovirus sauvage de type 1), il n'y avait pas eu un seul cas de poliomyélite en Indonésie depuis 1995.

¹ Voir N° 35, 2005, p. 299.

Composition recommandée des vaccins antigrippaux pour la saison 2006

La présente recommandation s'applique à la composition des vaccins pour le prochain hiver dans l'hémisphère austral (mai-octobre 2006). Une recommandation relative aux vaccins à utiliser pendant l'hiver dans l'hémisphère boréal (novembre 2006–avril 2007) sera formulée en février 2006. La recommandation la mieux adaptée (de septembre 2005 ou de février 2006) aux pays des régions équatoriales s'appuiera sur les données épidémiologiques.

Activité grippale, février-septembre 2005

Entre février et septembre 2005, une activité grippale a été signalée en Afrique, dans les Amériques, en Asie, en Europe et en Océanie.

Dans l'hémisphère boréal, ce sont les virus A(H3N2) qui ont prédominé et provoqué la plupart des flambées, notamment une flambée sévère et de longue durée à Hong Kong, Région administrative spéciale (RAS) de la Chine de mars à juin. Les virus B ont largement circulé et provoqué des flambées dans plusieurs pays d'Afrique, d'Asie et d'Europe orientale. Les virus grippaux A(H1N1) ont circulé dans une moindre mesure et provoqué des flambées dans quelques pays d'Europe orientale et d'Asie centrale entre février et avril.

Dans l'hémisphère austral, l'activité grippale a commencé en avril et s'est intensifiée en mai en Océanie et en juin en Amérique du Sud. En Océanie et en Amérique du Sud, les virus A(H3N2) et B ont cocirculé et provoqué plusieurs flambées, notamment une épidémie de grippe B en Nouvelle-Zélande. Les virus grippaux A(H1N1) ont peu

New Zealand. Influenza A(H1N1) viruses circulated at low levels in some countries, and a single outbreak was reported in South Africa.

Influenza A(H1)

Outbreaks caused by influenza A(H1N1) viruses were reported in Africa (South Africa), Asia (Oman) and Europe (Bulgaria, Greece and the Russian Federation).

Influenza A(H1N1) viruses were also isolated in Africa (Algeria and Tunisia), the Americas (Mexico, Paraguay, Peru and the United States), Asia (China, Hong Kong SAR, Macao SAR, Province of Taiwan; Indonesia; Japan; Malaysia; the Republic of Korea; Saudi Arabia; Thailand; Turkey), Europe (Austria, Belgium, Croatia, Czech Republic, Denmark, Finland, France, Germany, the Islamic Republic of Iran, Israel, Italy, Latvia, Norway, Poland, Portugal, Romania, Serbia and Montenegro, Slovakia, Slovenia, Sweden, Switzerland, Turkey, Ukraine and the United Kingdom) and Oceania (Australia).

The prevalence of influenza A(H1N2) viruses has declined over recent influenza seasons. Only a single influenza A(H1N2) virus was reported in 2005, from Switzerland.

Influenza A(H3N2)

Between February and September, outbreaks caused by influenza A(H3N2) viruses were reported in Africa (Egypt), the Americas (Argentina, Canada, Chile, Panama and the United States), Asia (China, Hong Kong SAR; Japan; the Republic of Korea), Europe (Belarus, Belgium, Denmark, Finland, France, Germany, Iceland, Italy, Latvia, Norway, Poland, Portugal, Romania, the Russian Federation, Sweden, Switzerland and Ukraine) and Oceania (Australia).

Influenza A(H3N2) viruses were also isolated in Africa (Algeria, Madagascar, Reunion, South Africa and Tunisia), the Americas (Brazil, El Salvador, Guyana, Martinique, Mexico, Peru and Venezuela), Asia (China, Macao SAR, Province of Taiwan; Indonesia; Malaysia; the Philippines; Saudi Arabia; Singapore; Thailand; Viet Nam), Europe (Austria, Bulgaria, Czech Republic, Greece, Islamic Republic of Iran, Iraq, Ireland, Israel, Kyrgyzstan, Serbia and Montenegro, Slovakia, Slovenia, Spain and the United Kingdom) and Oceania (Guam and New Zealand).

Influenza B

Between February and September, outbreaks due to influenza B viruses were reported in Africa (Egypt), the Americas (Argentina and Brazil), Asia (China, Province of Taiwan; Japan; Oman), Europe (Belarus, Latvia, Norway, the Russian Federation, Slovenia and Ukraine) and Oceania (New Zealand).

Influenza B viruses were also isolated in Africa (Algeria, Madagascar, Morocco, Reunion, Senegal and South Africa), the Americas (Canada, Chile, Colombia, Guyana, Mexico, Paraguay, Peru, the United States and Uruguay), Asia (China, Hong Kong SAR, Macao SAR; India; Indonesia; Malaysia; Nepal; the Philippines; the Republic of Korea; Saudi Arabia; Singapore; Thailand), Europe (Albania, Belgium, Croatia, Czech Republic, Denmark, Finland, France, Germany, Greece, Iceland, Islamic Republic of Iran, Ireland, Israel, Italy, Poland, Portugal, Romania, Serbia and Montenegro, Slovakia, Spain, Sweden, Switzerland, Turkey and the United Kingdom) and Oceania (Australia and New Caledonia).

circulé dans certains pays, une seule flambée ayant été signalée en Afrique du Sud.

Grippe à virus A(H1)

Des flambées provoquées par les virus A(H1N1) ont été signalées en Afrique (Afrique du Sud), en Asie (Oman) et en Europe (Bulgarie, Fédération de Russie et Grèce).

Des virus A(H1N1) ont également été isolés en Afrique (Algérie et Tunisie), dans les Amériques (Etats-Unis, Mexique, Paraguay et Pérou), en Asie (Arabie saoudite; Chine, RAS de Hong Kong, RAS de Macao, Province de Taiwan; Indonésie; Japon; Malaisie, République de Corée; Thaïlande et Turquie), en Europe (Allemagne, Autriche, Belgique, Croatie, Danemark, Finlande, France, Israël, Italie, Lettonie, Norvège, Pologne, Portugal, République islamique d'Iran, République tchèque, Roumanie, Royaume-Uni, Serbie-et-Monténégro, Slovaquie, Slovénie, Suède, Suisse, Turquie et Ukraine) et en Océanie (Australie).

La prévalence des virus grippaux A(H1N2) a diminué ces dernières années. Un seul virus grippal A(H1N2) a été signalé en 2005 en Suisse.

Grippe à virus A(H3N2)

Entre février et septembre, des flambées causées par les virus A(H3N2) ont été signalées en Afrique (Egypte), dans les Amériques (Argentine, Canada, Chili, Etats-Unis et Panama), en Asie (Chine, RAS de Hong Kong; Japon et République de Corée), en Europe (Allemagne, Bélarus, Belgique, Danemark, Fédération de Russie, Finlande, France, Islande, Italie, Lettonie, Norvège, Pologne, Roumanie, Suède, Suisse et Ukraine) et en Océanie (Australie).

Des virus A(H3N2) ont également été isolés en Afrique (Afrique du Sud, Algérie, Madagascar, Réunion et Tunisie), dans les Amériques (Brésil, El Salvador, Guyana, Martinique, Mexique, Pérou et Venezuela), en Asie (Arabie saoudite; Chine, RAS de Macao; Chine, Province de Taïwan; Indonésie; Malaisie; Philippines; Singapour; Thaïlande et Viet Nam), Europe (Autriche, Bulgarie, Espagne, Grèce, Iraq, Irlande, Israël, Kirghisistan, République islamique d'Iran, République tchèque, Royaume-Uni, Serbie-et-Monténégro, Slovaquie et Slovénie), et en Océanie (Guam et Nouvelle-Zélande).

Grippe à virus B

Entre février et septembre, des flambées dues à des virus B ont été signalées en Afrique (Egypte), dans les Amériques (Argentine et Brésil), en Asie (Chine, Province de Taiwan; Japon; Oman), en Europe (Bélarus, Fédération de Russie, Lettonie, Norvège, Slovénie et Ukraine) et en Océanie (Nouvelle-Zélande).

Des virus grippaux B ont également été isolés en Afrique (Afrique du Sud, Algérie, Madagascar, Maroc, Réunion et Sénégal), dans les Amériques (Canada, Chili, Colombie, Etats-Unis, Guyana, Mexique, Paraguay, Pérou et Uruguay), en Asie (Arabie saoudite; Chine, RAS de Hong Kong; Chine, RAS de Macao; Inde; Indonésie; Malaisie; Népal; Philippines; République de Corée; Singapour et Thaïlande), en Europe (Albanie, Allemagne, Belgique, Croatie, Danemark, Espagne, Finlande, France, Grèce, Irlande, Islande, Israël, Italie, Pologne, Portugal, République islamique d'Iran, République tchèque, Roumanie, Royaume Uni, Serbie-et-Monténégro, Slovaquie, Suède, Suisse et Turquie) et en Océanie (Australie et Nouvelle-Calédonie).

Influenza A(H5N1)

Between 16 December 2004 and 14 September 2005, 68 patients with influenza A(H5N1) were reported in Cambodia, Indonesia and Viet Nam; 25 of them died (http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/updates/en/). These cases were associated with outbreaks of highly pathogenic avian influenza A(H5N1) in poultry. So far there has been no evidence of sustained human-to-human transmission, and the WHO influenza pandemic preparedness level remains at Phase 3 (http://www.who.int/csr/resources/publications/influenza/WHO_CDS_CSR_GIP_2005_5/en/index.html).

Antigenic characteristics of recent isolates

Influenza A(H1N1) viruses

In haemagglutination-inhibition (HI) tests with postinfection ferret sera, the majority of influenza A(H1N1) viruses were closely related to A/New Caledonia/20/99.

Influenza A(H3N2) viruses

In HI tests with postinfection ferret sera, the majority of influenza A(H3N2) viruses were closely related to A/California/7/2004. A small proportion of isolates was distinguishable from A/California/7/2004; however, antigenic and genetic analyses did not reveal the emergence of a clearly definable antigenic variant.

Influenza B viruses

Overall, the numbers of B/Victoria/2/87 lineage viruses and B/Yamagata/16/88 lineage viruses were similar; however, the relative proportions of viruses of the two lineages varied in different countries. In recent months, an increasing proportion of influenza B isolates were of the B/Victoria/2/87 lineage.

In HI tests with postinfection ferret antisera, viruses of the B/Yamagata/16/88 lineage were closely related to the prototype vaccine strain B/Shanghai/361/2002. Most B/Victoria/2/87 lineage viruses were distinguishable from the prototype vaccine strain B/Hong Kong/330/2001 and the vaccine virus B/Brisbane/32/2002, and they were closely related to B/Malaysia/2506/2004 (Table 1).

Table 1 Results of haemagglutination-inhibition tests of influenza B viruses with postinfection ferret sera

Tableau 1 Résultats des tests d'inhibition de l'hémagglutination réalisés au moyen de sérums de furets post-infection pour les virus grippaux B

Antigens – Antigènes	B/HK/330/2001 ^a	B/Brisbane/32/2002 ^a	B/Malaysia/2506/2004 ^a	B/Shanghai/361/2002 ^b
B/Hong Kong/330/2001	320	160	160	<20
B/Brisbane/32/2002	320	640	640	<20
B/Malaysia/2506/2004	160	160	640	<20
B/Shanghai/361/2002	<20	40	20	1280
Recent isolates – Isolements récents				
B/Waikato/14/2005	<20	40	320	<20
B/Philippines/371/2005	<20	40	320	<20
B/Johannesburg/501/2005	20	40	320	<20
B/South Australia/16/2005	40	40	320	<20
B/Malaysia/634/2005	80	160	640	<20
B/Singapore/1/2005	<20	80	320	<20
B/Macau/231/2005	<20	80	320	<20
B/New Caledonia/1/2005	<20	<20	<20	640
B/Auckland/103/2005	<20	<20	<20	640

^a B/Victoria/2/87 lineage. – Lignée B/Victoria/2/87.

^b B/Yamagata/16/88 lineage. – Lignée B/Yamagata/16/88.

Grippe à virus A(H5N1)

Entre le 16 décembre 2004 et le 14 septembre 2005, 68 cas de grippe à A(H5N1) ont été signalés au Cambodge, en Indonésie et au Viet Nam, dont 25 mortels (http://www.who.int/csr/disease/avian_influenza/updates/en/). Ces cas ont été associés à des flambées de grippe aviaire hautement pathogène à A(H5N1) chez les volailles. Jusqu'ici, rien n'indique une transmission interhumaine durable et le niveau de préparation face à la pandémie de grippe de l'OMS reste à la phase 3 (http://www.who.int/csr/resources/publications/influenza/WHO_CDS_CSR_GIP_2005_5/en/index.html).

Caractéristiques antigéniques des isolements récents

Virus grippaux A(H1N1)

Les tests d'inhibition de l'hémagglutination (IH) réalisés au moyen de sérum de furet postinfection ont montré que la majorité des virus grippaux A(H1N1) étaient très proches de la souche A/New Caledonia/20/99.

Virus grippaux A(H3N2)

Dans les tests IH réalisés au moyen de sérum de furet post-infection, les virus grippaux à A(H3N2) étaient très proches de la souche A/California/7/2004. Une proportion limitée d'isolements pouvait être distinguée de A/California/7/2004 ; toutefois, les analyses antigeniques et génétiques n'ont pas révélé l'émergence d'un variant antigénique clairement définissable.

Virus grippaux B

Dans l'ensemble, le nombre de virus de la lignée B/Victoria/287 était comparable à celui de virus de la lignée B/Yamagata/16/88; toutefois, la proportion relative des virus des deux lignées variait de l'un à l'autre pays. Ces derniers mois, une proportion croissante des isolements de virus B appartenait à la lignée B/Victoria/2/87.

Les tests IH réalisés au moyen de sérums de furets postinfection ont montré que les virus de la lignée B/Yamagata/16/88 étaient étroitement apparentés à la souche du vaccin B/Shanghai/361/2002. La plupart des virus de la lignée B/Victoria/2/87 pouvaient être distingués de la souche du vaccin prototype B/Hong Kong/330/2001 et du virus vaccinal B/Brisbane/32/2002 et étaient étroitement apparentés à B/Malaysia/2506/2004 (Tableau 1).

Studies with inactivated influenza virus vaccines

Antibodies to haemagglutinin (HA) were measured by HI tests in panels of selected sera from people who had received trivalent inactivated vaccines containing the antigens of A/New Caledonia/20/99(H1N1), A/New York/55/2004(H3N2) and either B/Shanghai/361/2002 or B/Jiangsu/10/2003, administered in doses of 15 µg of each HA.

Vaccines containing influenza A/New Caledonia/20/99(H1N1) antigen stimulated postimmunization HA antibodies at titres ≥ 40 to the influenza A(H1N1) vaccine virus in the sera of 37% of children, 68% of adults and 52% of elderly people who had been vaccinated. In adults and elderly people, the postimmunization average geometric mean HA titres and proportions of titres ≥ 40 to recent isolates were similar. For children, however, the average geometric mean HA titres were 88% lower, and only 5% of children developed titres ≥ 40 .

Vaccines containing influenza A/New York/55/2004(H3N2) antigen stimulated postimmunization HA antibodies at titres ≥ 40 to the vaccine virus in the sera of 96% of adults and 67% of elderly people who had been vaccinated. In adults and elderly people, the postimmunization average geometric mean HA titres and proportions of titres ≥ 40 to recent isolates were similar.

Vaccines containing influenza B/Shanghai/361/2002-like antigens stimulated postimmunization HA antibodies at titres ≥ 40 to the vaccine virus in the sera of 13% of children, 96% of adults and 67% of elderly people who had been vaccinated. For representative recent B/Shanghai/361/2002-like (B/Yamagata/16/88 lineage) viruses, the proportions of titres ≥ 40 were similar. For representative recent B/Malaysia/2506/2004-like viruses (B/Victoria/2/87 lineage), the proportions of titres ≥ 40 were lower: 0% of children, 47% of adults and 36% of elderly people who had been vaccinated. Furthermore, the average postimmunization geometric mean HA titre to recent B/Malaysia/2506/2004-like viruses was 55% lower for children, 58% lower for adults and 52% lower for elderly people than to the vaccine virus.

Recommended composition of influenza virus vaccines for use in the 2006 influenza season

During the period February to September 2005, influenza A(H1N1), A(H3N2) and B viruses circulated in many parts of the world.

Influenza A(H1N1) viruses were associated with outbreaks in several countries. In HI tests, most isolates were antigenically similar to A/New Caledonia/20/99. Current vaccines containing A/New Caledonia/20/99 antigen stimulated HA antibodies against recent A(H1N1) influenza isolates, which were of similar titre and frequency to those against the vaccine virus.

Influenza A(H3N2) viruses were associated with widespread outbreaks in several countries. The majority of recent isolates were antigenically similar to A/California/7/2004. Current vaccines containing A/New York/55/2004(H3N2) antigen stimulated HA antibodies against recent influenza A(H3N2) isolates, which were of similar titre and frequency to those against the vaccine virus.

Etudes des vaccins antigrippaux à virus inactivé

Le titre en anticorps anti-hémagglutinine (HA) a été déterminé par IH sur des batteries de sérum sélectionnées provenant de sujets ayant reçu un vaccin trivalent inactivé comportant les antigènes des virus A/New Caledonia/20/99(H1N1), A/New York/55/2004(H3N2) et soit B/Shanghai/361/2002 soit B/Jiangsu/10/2003 administrés à la dose de 15 µg de chacune des hémagglutinine.

Les vaccins comportant l'antigène du virus grippal A/New Caledonia/20/99(H1N1) ont suscité la formation d'anticorps anti-HA antivirus vaccinal H(H1N1) de titre ≥ 40 chez 37% des enfants, 68% des adultes et 52% des personnes âgées vaccinées. Chez les adultes et les personnes âgées, les titres moyens géométriques des anticorps anti-HA et les proportions de titres ≥ 40 vis-à-vis des isolements récents étaient comparables. Chez l'enfant toutefois, la moyenne géométrique des titres d'anticorps anti-HA était inférieure de 88%, seuls 5% des enfants ayant des titres ≥ 40 .

Les vaccins comportant l'antigène du virus grippal A/New York/55/2004(H3N2) ont suscité la formation d'anticorps IH antivirus vaccinal ≥ 40 chez 96% des adultes et 67% des personnes âgées vaccinées. Chez les adultes et les personnes âgées, les titres HA moyen géométrique postvaccination et les proportions de titres ≥ 40 des récents isolements étaient similaires.

Les vaccins comportant l'antigène du virus grippal analogue B/Shanghai/361/2002 ont suscité la formation d'anticorps anti-HA antivirus vaccinal de titre ≥ 40 chez 13% des enfants, 96% des adultes et 67% des personnes âgées vaccinées. Concernant les virus représentatifs récents, analogues à B/Shanghai/361/2002 (lignée B/Yamagata/16/88), les proportions de titres ≥ 40 et les titres des anticorps étaient comparables. Concernant les virus représentatifs récents analogues à B/Malaysia/2506/2004 (lignée B/Victoria/2/87), les proportions de titres ≥ 40 étaient plus faibles: 0% des enfants, 47% des adultes et 36% des personnes âgées vaccinées. En outre, le titre moyen géométrique des anticorps anti-HA dirigés contre les virus récents analogues à B/Malaysia/2506/2004 était en moyenne inférieur de 55% chez les enfants, de 58% chez les adultes et de 52% chez les personnes âgées à celui des anticorps dirigés contre le virus vaccinal.

Recommandation pour la composition des vaccins antigrippaux destinés à la saison de grippe 2006

De février à septembre 2005, les virus grippaux A(H1N1), A(H3N2) et B ont circulé dans de nombreuses parties du monde.

Les virus A(H1N1) ont été associés à des flambées dans plusieurs pays. Les tests IH ont montré que la plupart des isolements étaient antigeniquement comparables à A/New Caledonia/20/99. Les vaccins actuels comportant l'antigène A/New Caledonia/20/99 ont suscité la formation d'anticorps anti-HA dirigés contre les isolements récents de virus grippal A(H1N1) avec une fréquence et un titre comparable à ceux des anticorps dirigés contre le virus vaccinal.

Les virus grippaux A(H3N2) ont été associés à des flambées étenues dans plusieurs pays. La plupart des isolements récents étaient antigeniquement similaires à la souche A/California/7/2004. Les vaccins actuels comportant l'antigène A/New York/55/2004(H3N2) ont suscité la formation d'anticorps HA dirigés contre les isolements récents de virus grippal A(H3N2) d'une fréquence et d'un type comparables à ceux des anticorps contre le virus vaccinal.

Influenza B viruses circulated widely and caused outbreaks in several countries, including an epidemic in New Zealand. Viruses of both B/Yamagata/16/88 lineage and B/Victoria/2/87 lineage were prevalent in many countries but occurred in different proportions. Whereas many isolates were antigenically similar to B/Shanghai/361/2002 (B/Yamagata/16/88 lineage), an increasing proportion of B/Victoria/2/87 lineage viruses was identified in many countries. The majority of recent isolates were antigenically similar to B/Malaysia/2506/2004 (B/Victoria/2/87 lineage). Current vaccines containing B/Shanghai/361/2002-like antigens (B/Yamagata/16/88 lineage) stimulated HA antibodies that were lower in frequency and titre to B/Malaysia/2506/2004-like viruses than to the vaccine virus.

As in previous years, national control authorities should approve the specific vaccine viruses used in each country. National public health authorities are responsible for making recommendations regarding the use of the vaccine. WHO has published recommendations on the prevention of influenza.¹

Most of the population is likely to have been infected with influenza A(H1N1), influenza A(H3N2) and influenza B viruses. As a consequence, 1 dose of inactivated influenza vaccine

should be immunogenic for individuals of all ages except young children. Previously unimmunized children should receive 2 doses of inactivated vaccine with an interval between doses of at least 4 weeks.

Reagents for use in the laboratory standardization of inactivated vaccine may be obtained from: Immunology (Vaccines), Therapeutic Goods Administration Laboratories, P.O. Box 100, Woden ACT, 2606 Australia (fax: +61 2 6232 8564, web site: <http://www.health.gov.au/tga>); Division of Virology, National Institute for Biological Standards and Control, Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, England (fax: +44 1707 646 730, e-mail: enquiries@nibsc.ac.uk, web site: <http://www.nibsc.ac.uk>); or Division of Viral Products, Center for Biologics Evaluation and Research, Food and Drug Administration, 1401 Rockville Pike, Rockville, MD 20892, United States (fax: +1 301 402 5128).

Requests for reference strains for antigenic analysis should be addressed to the WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, 45 Poplar Road, Parkville, Victoria 3052, Australia (fax: +61 3 9389 1881, web site: <http://www.influenzacentre.org>); the WHO Collaborating

Le virus grippal B a circulé largement et provoqué des flambées dans plusieurs pays, notamment une épidémie en Nouvelle-Zélande. Les virus tant de la lignée B/Yamagata/16/88 que de la lignée B/Victoria/2/87 étaient présents dans de nombreux pays mais en proportions différentes. Si de nombreux isolements étaient antigeniquement comparables à B/Shanghai/361/2002 (lignée B/Yamagata/16/88), une proportion croissante de virus de la lignée B/Victoria/2/87 ont été identifiés dans de nombreux pays. La majorité des isolements récents étaient antigeniquement comparables à B/Malaysia/2506/2004 (lignée B/Victoria/2/87). Les vaccins actuels contenant des antigènes comparables à B/Shanghai/361/2002 (lignée B/Victoria/2/87) ont suscité la formation d'anticorps anti-HA avec une fréquence et un titre plus faibles vis-à-vis des virus analogues à B/Malaysia/2506/2004 que vis-à-vis du virus vaccinal.

Comme les années précédentes, les virus vaccinaux utilisés dans chaque pays devront être approuvés par les autorités nationales de contrôle. Les recommandations relatives à l'usage du vaccin sont du ressort des autorités nationales de santé publique. L'OMS a publié des recommandations sur la prévention de la grippe.¹

It is recommended that vaccines to be used in the 2006 season (southern hemisphere winter) contain the following:

- an A/New Caledonia/20/99(H1N1)-like virus;
- an A/California/7/2004(H3N2)-like virus;^a
- a B/Malaysia/2506/2004-like virus

^a The currently used vaccine virus is A/New York/55/2004.

Il est donc recommandé que les vaccins à utiliser au cours de la saison 2006 (hiver austral) comportent les souches suivantes:

- un virus analogue à A/New Caledonia/20/99(H1N1);
- un virus analogue à A/California/7/2004(H3N2);^a
- un virus analogue à B/Malaysia/2506/2004

^a Parmi les virus vaccinaux actuellement utilisés figure A/New York/55/2004.

La plus grande partie de la population a probablement été infectée par les virus grippaux A(H1N1), A(H3N2), et B. Par conséquent, une dose unique de vaccin antigrippal

inactivé devrait être immunogène quel que soit l'âge, sauf chez le jeune enfant. Les enfants qui n'ont pas encore été vaccinés recevront 2 doses de vaccin inactivé, administrées à au moins 4 semaines d'intervalle.

Les réactifs nécessaires à la standardisation au laboratoire du vaccin inactivé peuvent être obtenus auprès des organismes suivants: Immunology (Vaccines), Therapeutic Goods Administration Laboratories, P.O. Box 100, Woden ACT, Australie (télécopie: +61 2 62 32 8564, site Web: <http://www.health.gov.au/tga>); Division of Virology, National Institute for Biological Standards and Control, Blanche Lane, South Mimms, Potters Bar, Hertfordshire, EN6 3QG, Royaume-Uni (télécopie: +44 17 07 646 730, e-mail: enquiries@nibsc.ac.uk, site Web: <http://nibsc.ac.cn>); Division of Viral Products, Center for Biologics Evaluation and Research, Food and Drug Administration, 1401 Rockville Pike, Rockville, MD 20892, Etats-Unis (télécopie: +1 301 402 51 28).

Les souches de référence nécessaires à l'analyse antigenique peuvent être obtenues en s'adressant aux Centres collaborateurs OMS de référence et de recherche pour la grippe: WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, 45 Poplar Road, Parkville, Victoria 3052, Australie (télécopie: +61 3 93 89 18 8; site

¹ See No. 33, 2003, pp. 290–293.

¹ Voir N° 33 2003, pp. 290–293.

Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute of Infectious Diseases, Gakuen 4-7-1, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japan (fax: +81 42 561 0812 or +81 42 565 2498, web site: <http://www.nih.go.jp/niid/index-e.html>); the WHO Collaborating Center for Surveillance, Epidemiology and Control of Influenza, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, Mail stop G16, Atlanta, GA 30333, United States (fax: +1 404 639 2334, web site: <http://www.cdc.gov/flu/>); or the WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute for Medical Research, The Ridgeway, Mill Hill, London NW7 1AA, England (fax: +44 2089 064 477).

Updated epidemiological information is available on WHO's web site at <http://www.who.int/influenza>. ■

Web: <http://www.influenzacentre.org>); WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute of Infectious Diseases, Gakuen 4-7-1, Musashi-Murayama, Tokyo 208-0011, Japon (télécopie: +81 42 5610812 ou +81 42 5652498, site Web: <http://www.nih.go.jp/niid/index-e.html>); WHO Collaborating Center for Surveillance, Epidemiology and Control of Influenza, Centers for Disease Control and Prevention, 1600 Clifton Road, Mail stop G16, Atlanta, GA 30333, Etats-Unis (télécopie: +1 404 639 23 34), site Web: <http://www.cdc.gov/flu>); ou WHO Collaborating Centre for Reference and Research on Influenza, National Institute for Medical Research, The Ridgeway, Mill Hill, Londres NW7 1AA, Royaume-Uni (télécopie: +44 208 906 44 77).

Des données épidémiologiques à jour sont consultables sur le site Web de l'OMS: <http://www.who.int/influenza>. ■

New genotype of measles virus and update on global distribution of measles genotypes

Background

Molecular characterization of measles viruses is an important component of measles surveillance because it enhances the ability of surveillance and epidemiological investigations to identify the source and trace the transmission pathways of the virus. Documentation of changes in viral genotypes over time in a particular country or region can provide evidence for the interruption of the endemic transmission of measles, and documentation can also serve as a valuable tool for measuring the effectiveness of measles-control and elimination programmes. WHO recommends that viral surveillance be conducted during all phases of measles control and that virological surveillance activities be expanded to provide an accurate description of the global distribution of measles genotypes. It is important to conduct baseline virological surveillance in all countries; especially those that are planning accelerated control activities in the near future. The WHO global measles and rubella laboratory network provides support for virological surveillance and molecular epidemiology.

In 1998, WHO published the first guidelines for developing a uniform nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses.¹ This report provided guidelines for naming measles-virus isolates and sequences and assigning genotypes, as well as the recommended laboratory methods for genetic characterization. In 2001 and 2003 the WHO recommendations were updated to take into account the new genotypes identified due to expanded virological surveillance.² In these reports, WHO established the use of standard reference sequences for each designated genotype to facilitate the analysis of sequence data obtained from viral isolates or clinical specimens (*Tableau 1*). These reports also recommended that the sequence of the 450 nucleotides encoding the COOH-terminal 150 amino acids of the nucleoprotein (N) be used as the minimum amount of nucleotide sequence data required for determining the genotype of a measles virus. If a new genotype

Nouveau génotype de virus rougeoleux et actualisation la répartition mondiale des génotypes de virus rougeoleux

Généralités

La caractérisation moléculaire des virus rougeoleux est un élément important de la surveillance de la rougeole car elle permet d'améliorer la capacité de surveillance et d'investigation épidémiologique afin d'identifier l'origine du virus et de retrouver ses voies de transmission. En documentant les modifications de génotype des virus au cours du temps dans un pays ou une région donnés, on peut obtenir une indication de l'interruption de la transmission de la rougeole endémique et se servir également des données obtenues comme outil de mesure de l'efficacité des programmes de lutte et d'élimination. L'OMS recommande d'exercer une surveillance virologique à toutes les phases de la lutte antirougeoleuse et de développer les activités pour obtenir un tableau exact de la répartition mondiale des génotypes de virus rougeoleux. Il est important de réaliser une enquête de surveillance virologique de référence dans tous les pays, ceux en particulier qui prévoient d'accélérer prochainement les activités de lutte. Le réseau mondial OMS de laboratoires pour la rougeole et la rubéole offre son aide en matière de surveillance virologique et d'épidémiologie moléculaire.

En 1998, l'OMS a publié les premières recommandations pour la mise au point d'une nomenclature unique pour décrire les caractéristiques génétiques des virus rougeoleux sauvages.¹ Ce rapport donnait également des recommandations pour la désignation des isolements et des séquences de virus rougeoleux et l'attribution d'un génotype, et indiquait les méthodes de laboratoire recommandées de caractérisation génétique. En 2001 et en 2003, les recommandations de l'OMS ont été mises à jour pour tenir compte des nouveaux génotypes identifiés après le développement de la surveillance virologique.² Dans ces rapports, l'OMS a établit l'utilisation de séquences de référence standard pour chacun des génotypes désignés, afin de faciliter l'analyse des données du séquençage d'isolements viraux ou de prélèvements cliniques (*Tableau 1*). Ces rapports recommandaient en outre d'utiliser la séquence de 450 nucléotides codant pour l'extrémité COOH-terminale de 150 acides aminés de la nucléoprotéine (N) comme séquence nucléotidique minimale, nécessaire pour déterminer le génotype

¹ See No. 35, 1998, pp. 265–272.

² See No. 32, 2001, pp. 241–247; No. 33, 2001, pp. 249–251; No. 27, 2003, pp. 229–232.

¹ Voir N° 35, 1998, pp. 265-272.

² Voir N° 32, 2001, pp. 241-247; N° 33, 2001, pp. 249-251; N° 27, 2003, pp. 229-232.

is suspected, a viral isolate and the complete haemagglutinin (H) sequence should always be obtained in addition to the N sequence. Finally, new genotypes should be described as proposed genotypes (designated by a lower-case clade letter) until they are recognized in a WHO publication. Articles in WHO publications that identify potentially new genotypes are reviewed by representatives of the WHO measles strain banks, global specialized laboratories and selected regional reference laboratories.

Laboratories are reminded that it is important to continue to collect and isolate measles viruses from representative cases and outbreaks. Viral isolates provide an inexhaustible source of genetic material that will be available for more detailed molecular, epidemiological and biological studies. The network recommends the use of Vero/hSLAM cells for virus isolation. Unlike B95a cells, Vero/hSLAM cells do not secrete Epstein-Barr virus and, therefore, there is no requirement to ship the cell line as an infectious substance. The Vero/hSLAM cells are as sensitive as B95a cells for isolation of measles virus from clinical specimens and can also be used to isolate rubella virus. The WHO global measles and rubella laboratory network will provide Vero/hSLAM cells and protocols for their use.

The purpose of this report is to update the list of recognized measles genotypes and WHO reference sequences and to provide an update on the global distribution of measles genotypes. This update increases the number of recognized genotypes from 22 to 23.

New measles genotype and change in status

The list of measles genotypes recognized by WHO and the reference strains for each genotype are shown in *Table 1*. The table has been revised from previous reports to include one new genotype, D10. Genotype D10 viruses were detected during baseline virological surveillance activities in Uganda during 2000–2002. All of the viruses isolated in Uganda were members of this new genotype, which has not yet been detected in any other African country. Viruses isolated in some of the countries bordering Uganda, including Kenya, the Democratic Republic of the Congo and Sudan, were members of genotypes D4, B3 and B2. The minimum nucleotide divergence between the Ugandan viruses and the most closely related reference strain, genotype D2, was 3.1% for the N gene and 2.6% for the H gene. The reference strain for genotype D10 is MVi/Kampala.UGA/51.00/1, and the N and H gene-sequence data have been deposited in GenBank. Viruses belonging to genotype D10 were imported into the United Kingdom from Kenya during 2003.

Genotypes that have not been detected in 15 years are considered inactive with the caveat that virological surveillance activities are incomplete in many parts of the world. Genotype B2 was previously listed as inactive; however genotype B2 viruses have been isolated recently from patients with measles in Angola and the Democratic Republic of the Congo as well as from imported cases in South Africa. Prior to these recent detections, the last identification of genotype B2 was in the early 1980s in Gabon. Genotype B2 has now

d'un virus rougeoleux. En présence d'un nouveau génotype présenté, il faudra obtenir un isolement viral et séquencer entièrement l'hémagglutinine (H) en plus de la séquence N. Pour finir, les nouveaux génotypes seront décrits comme des génotypes proposés (la lettre correspondant au clade étant en minuscule), jusqu'à ce que ces génotypes soient reconnus dans une publication de l'OMS. Les articles figurant dans les publications de l'OMS qui identifient des génotypes potentiellement nouveaux sont examinés par des représentants des banques OMS de souche de virus rougeoleux, des laboratoires mondiaux spécialisés, et de certains laboratoires régionaux de référence.

Il est rappelé aux laboratoires qu'il est important de continuer à recueillir et à isoler des virus rougeoleux représentatifs des cas et des flambées. Les isolements viraux sont une source inépuisable de matériel génétique, disponible pour des études moléculaires, épidémiologiques et biologiques détaillées. Le réseau recommande l'utilisation de cellules Vero/hSLAM pour l'isolement des virus. Contrairement aux cellules B95a, les cellules Vero/hSLAM n'excrètent pas de virus Epstein-Barr, et, par conséquent, il n'est pas indispensable de faire voyager la lignée cellulaire comme une substance infectieuse. Les cellules Vero/hSLAM sont aussi sensibles que les cellules B95a pour l'isolement du virus rougeoleux à partir des prélèvements cliniques et elles peuvent également servir à l'isolement du virus rubéoleux. Le réseau mondial OMS de laboratoires pour la rougeole et la rubéole fournira les cellules Vero/hSLAM et les protocoles d'utilisation.

Ce rapport a pour but de mettre à jour la liste des génotypes de virus rougeoleux et des séquences de référence de l'OMS reconnus et d'actualiser la répartition mondiale des génotypes de virus rougeoleux. Avec cette mise à jour, le nombre de génotypes reconnus passe de 22 à 23.

Nouveau génotype de virus rougeoleux et modification de statut

La liste des génotypes de virus rougeoleux reconnus par l'OMS et des souches de référence correspondant à chaque génotype est donnée au *Tableau 1*. Les tableaux des précédents rapports ont été révisés pour inclure dans celui-ci le nouveau génotype D10. Les virus de génotype D10 ont été décelés au cours des enquêtes de surveillance virologique de référence en Ouganda, de 2000 à 2002. Tous les virus isolés en Ouganda appartenaient à ce nouveau génotype, lequel n'a encore été décelé dans aucun autre pays africain. Les virus isolés dans certains pays qui jouxtent l'Ouganda, notamment le Kenya, la République démocratique du Congo, et le Soudan, appartenaient aux génotypes D4, B3 et B2. L'écart minimal des séquences nucléotidiques entre les virus de l'Ouganda et la souche de référence la plus proche, le génotype D2, était de 3,1% pour le gène N et de 2,6% pour le gène H. La souche de référence du génotype D10 est la souche MVi/Kampala.UGA/51.00/1 et les données concernant les séquences des gènes N et H ont été déposées à la GenBank. Des virus appartenant au génotype D10 ont été importés au Royaume-Uni à partir du Kenya au cours de 2003.

Les génotypes qui n'ont pas été décelés pendant 15 ans sont considérés comme inactifs, avec toutefois comme réserve que les activités de surveillance virologique sont incomplètes dans de nombreuses parties du monde. Le génotype B2 était antérieurement inscrit dans la liste des virus inactifs ; toutefois, des virus de génotype B2 ont été isolés récemment chez des patients atteints de rougeole en Angola et en République démocratique du Congo ainsi qu'en Afrique du Sud chez des cas importés. Avant ces découvertes récentes, la dernière identification du génotype B2 datait du début des années 1980 au

Table 1 Reference strains to be used for genetic analysis of wild-type measles viruses: 2005
Tableau 1 Souches de référence pour l'analyse génétique des virus rougeoleux sauvages: 2005

Genotype – Génotype	Status ^a – Activité ^a	Reference strains (MVi) ^b – Souche de référence (MVi) ^b	H gene accession ^c – Accession au gène H ^c	N gene accession – Accession au gène N
A	Active	Edmonston-wt.USA/54	U03669	U01987
B1	Inactive	Yaounde.CAE/12.83 «Y-14»	AF079552	U01998
B2	Active	Libreville.GAB/84 «R-96»	AF079551	U01994
B3	Active	New York.USA/94 Ibadan.NIE/97/1	L46752AJ239133	L46753AJ232203
C1	Active	Tokyo.JPN/84/K	AY047365	AY043459
C2	Active	Maryland.USA/77 «JM»Erlangen.DEU/90 «WTF»	M81898Z80808	M89921X84872
D1	Inactive	Bristol.UNK/74 (MVP)	Z80805	D01005
D2	Active	Johannesburg.SOA/88/1	AF085198	U64582
D3	Active	Illinois.USA/89/1 «Chicago-1»	M81895	U01977
D4	Active	Montreal.CAN/89	AF079554	U01976
D5	Active	Palau.BLA/93Bangkok.THA/93/1	L46757AF009575	L46758AF079555
D6	Active	New Jersey.USA/94/1	L46749	L46750
D7	Active	Victoria.AUS/16.85Illinois.USA/50.99	AF247202AY043461	AF243450AY037020
D8	Active	Manchester.UNK/30.94	U29285	AF280803
D9	Active	Victoria.AUS/12.99	AY127853	AF481485
D10	Active	Kampala.UGA/51.00/1	AY923213	AY923185
E	Inactive	Goettingen.DEU/71 «Braxator»	Z80797	X84879
F	Inactive	MVs/Madrid.SPA/94 SSPE	Z80830	X84865
G1	Inactive	Berkeley.USA/83	AF079553	U01974
G2	Active	Amsterdam.NET/49.97	AF171231	AF171232
G3	Active	Gresik.IND/17.02	AY184218	AY184217
H1	Active	Hunan.CHN/93/7	AF045201	AF045212
H2	Active	Beijing.CHN/94/1	AF045203	AF045217

^a Active genotypes that have been isolated within the past 15 years. – Génotypes actifs isolés au cours des 15 dernières années.

^b WHO name; other names that have been used in the literature appear in quotation marks. – Nom OMS ; les autres noms utilisés dans la littérature apparaissent entre guillemets.

^c Sequences available at GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) or from WHO strain banks. – Séquences disponibles auprès de la GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) ou des banques de souches OMS.

been designated as an active genotype (*Table 1*). Presumably, genotype B2 viruses have been continuously circulating in parts of western Africa but had not been detected because of inadequate virological surveillance.

Global distribution of genotypes

Measles has been eliminated from many parts of the world. However, sporadic cases and outbreaks continue to occur in these countries via importation of acute measles cases. Genotypes associated with imported cases of measles in 2004–2005 include: in the United States, D3, D4, D6, D8, D9 and H1; in Mexico, D9 and H1; in Canada, D4, D6, D9 and H1; in the United Kingdom, D3, D4, D5, D7, D8 and D9; in Japan, D9; in Australia, D4, D5, D8, D9, G2, G3 and H1; in central Europe, D4 and D8; and in Bulgaria and the Russian Federation, H1. Based on the travel history of the index cases, the known sources of the imported genotypes were: D3 from the Philippines and Sri Lanka; D4 from Germany, India, Ireland, Jamaica, Pakistan, Romania, Spain, Thailand and Yemen; D5 from France and Thailand; D6 from Armenia; D7 from Bangladesh; D8 from Bangladesh and India; D9 from Indonesia, Malaysia and the United States; H1 from China and Japan; G2 from Singapore; and G3 from Indonesia.

Virological surveillance activities have expanded since the previous report in 2003, and *Table 2* has been updated to list the genotypes detected in countries that have not yet reported elimination of measles. These genotypes were detected from sporadic cases and outbreaks and, in some cases, represent an endemic genotype (or endemic genotypes). The data reported in *Table 2* are a compilation of results obtained over the past 5 years and may not reflect the current measles situation in a particular country.

Gabon. Le génotype B2 est maintenant désigné comme un génotype actif (*Tableau 1*). Il est probable que les virus de génotype B2 ont continué à circuler dans certaines zones d'Afrique de l'Ouest, sans être décelés en raison des manques de la surveillance virologique.

Répartition mondiale des génotypes

La rougeole a été éliminée de nombreuses régions du monde. Cependant, des cas sporadiques et des flambées continuent à se produire dans ces pays par importation de cas aigus de rougeole. Les génotypes associés aux cas importés de rougeole en 2004–2005 sont les suivants: aux Etats-Unis: D3, D4, D6, D8, D9 et H1; au Mexique, D9 et H1; au Canada, D4, D6, D9 et H1; au Royaume-Uni: D3, D4, D5, D7, D8 et D9; au Japon: D9; en Australie: D4, D5, D8, D9, G2, G3 et H1; en Europe centrale: D4 et D8; en Bulgarie et dans la Fédération de Russie: H1. Compte tenu des antécédents de voyage des cas indicateurs, l'origine connue des génotypes importés est la suivante: Philippines et Sri Lanka pour D3; Allemagne, Inde, Irlande, Jamaïque, Pakistan, Roumanie, Espagne, Thaïlande et Yémen pour D4; France et Thaïlande pour D5; Arménie pour D6; Bangladesh pour D7; Bangladesh et Inde pour D8; Indonésie, Malaisie et Etats-Unis pour D9; Chine et Japon pour H1; Singapour pour G2; Indonésie pour G3.

Les activités de surveillance virologique se sont développées depuis le précédent rapport de 2003, et le *Tableau 2* a été mis à jour pour indiquer les génotypes décelés dans des pays où l'élimination de la rougeole n'a pas encore été notifiée. Ces génotypes ont été identifiés chez des cas sporadiques et pendant des flambées et représentent parfois un génotype endémique (ou des génotypes endémiques). Les données du *Tableau 2* sont une compilation des résultats obtenus au cours des 5 dernières années et peuvent ne pas refléter la situation actuelle de la rougeole dans un pays particulier.

Table 2 Reported measles genotypes in countries that have not eliminated measles transmission: 2000–2005
Tableau 2 Génotype des virus rougeoleux signalés dans des pays qui n'ont pas éliminé la transmission rougeoleuse: 2000-2005

Genotype – Countries not yet reporting measles elimination –
Génotype Pays qui n'ont pas encore rapporté l'élimination de la rougeole

B2	Angola, Democratic Republic of the Congo – Angola, République démocratique du Congo
B3	Congo, Democratic Republic of the Congo, Cameroon, Gambia, Ghana, Libyan Arab Jamahiriya, Niger, Nigeria, Sudan – Congo, République démocratique du Congo, Cameroun, Gambie, Ghana, Jamahiriya arabe libyenne, Niger, Nigéria, Soudan
C2	Morocco – Maroc
D2	Botswana, Lesotho, Malawi, Namibia, South Africa, Zimbabwe – Botswana, Lesotho, Malawi, Namibie, Afrique du Sud, Zimbabwe –
D3	Papua New Guinea, the Philippines – Papaousie-Nouvelle-Guinée, Philippines
D4	Botswana, Ethiopia, India, Iran (Islamic Republic of), Kenya, Nepal, Pakistan, Russian Federation, South Africa, Sudan, Syrian Arab Republic, Zimbabwe – Botswana, Ethiopie, Inde, Iran (République islamique d'), Kenya, Népal, Pakistan, Fédération de Russie, Afrique du Sud, Soudan, République arabe syrienne, Zimbabwe
D5	Cambodia, Thailand – Cambodge, Thaïlande
D6	Russian Federation, Turkey – Fédération de Russie, Turquie
D7	France, Germany, India, Italy – France, Allemagne, Inde, Italie
D8	Bangladesh, India, Nepal – Bangladesh, Inde, Népal
D9	Indonesia, Japan – Indonésie, Japon
D10	Uganda – Ouganda
G2	Indonesia, Malaysia, Thailand – Indonésie, Malaisie, Thaïlande
G3	Indonesia, Timor-Leste – Indonésie, Timor-Leste
H1	China, Japan, Republic of Korea, Mongolia, Viet Nam – Chine, Japon, Corée, Mongolie, Viet Nam
H2	Viet Nam – Viet Nam

Continuing updates and data reporting

A citation list for measles molecular epidemiology is available at the WHO measles strain bank at the United States Centers for Disease Control and Prevention (CDC) (<http://www.cdc.gov/ncidod/dvrd/revb/measles>). Information about European genotypes, including sequence data, can also be obtained from the web site sponsored by the European Commission Partnership Project known as Enhanced Laboratory Surveillance of Measles (ELSM partners may access at <http://www.elsm.net/>).

One of the recommendations from the Second WHO Global Measles Laboratory Meeting held in Cape Town, South Africa, in 2003 was that results of genetic characterization of wild-type viruses should be reported to the regional laboratory coordinator, WHO headquarters and representatives of WHO measles strain banks within 3 months of sequence data being completed. However, the recommendations from the Third WHO Global Measles and Rubella Laboratory Network Meeting held in Geneva, Switzerland, in 2005 emphasized the importance of reporting genotype information as quickly as possible.

Laboratories are encouraged to deposit sequence results in GenBank and to ensure that the sequences are properly annotated and contain the minimum amount of sequence data (450 nucleotides). During an outbreak, only representative sequences should be submitted. Reporting to other regional, local or institutional databases is also encouraged, particularly if these databases capture epidemiological information that is not available on the sequence databases. Laboratories are requested to notify the WHO measles strain bank at the CDC prior to submitting proposals for new genotypes to be recognized. This is the only means to prevent duplication of genotype designations and to avoid confusion in the literature. Reporting sequence data to GenBank and consulting with WHO measles strain banks will not jeopardize subsequent publication. Those who submit sequence information are reminded to use the standardized ISO3 country codes (available at <http://>

Mises à jour permanentes et notification des données

Une liste de référence pour l'épidémiologie moléculaire de la rougeole est disponible auprès de l'OMS et de la banque de souches de l'OMS aux *Centers for Disease Control and Prevention* (Etats-Unis) (<http://www.cdc.gov/ncidod/dvrd/revb/measles>). Des renseignements sur les génotypes européens, y compris sur les séquences, peuvent être obtenus sur le site Web parrainé par le projet de surveillance renforcée de la rougeole au laboratoire (ELSM: Enhanced Laboratory Surveillance of Measles) en partenariat avec la Commission européenne; les partenaires peuvent accéder au site à l'adresse <http://www.elsm.net/>.

L'une des recommandations formulées lors de la deuxième réunion des laboratoires pour la rougeole qui s'est tenue à Cape Town, en Afrique du Sud, en 2003, est que le résultat de la caractérisation génétique des virus sauvages doit être notifié au coordinateur du laboratoire régional, au Siège de l'OMS, et aux représentants des banques OMS de souches de virus rougeoleux dans les 3 mois qui suivent le séquençage complet. Toutefois, les recommandations de la troisième réunion du réseau mondial de laboratoires pour la rougeole qui s'est tenue en 2005 ont souligné l'importance de la rapidité des notifications concernant les génotypes.

Les laboratoires sont invités à déposer les résultats du séquençage à la GenBank et à vérifier que ces séquences sont convenablement annotées et contiennent la quantité nécessaire minimale de nucléotides (450). Au cours d'une flambée, seules les séquences représentatives doivent être soumises. La notification à d'autres bases de données régionales, locales ou institutionnelles est également encouragée, en particulier si ces bases recueillent des informations épidémiologiques qui ne sont pas disponibles dans les bases de données sur les séquences. Il est demandé aux laboratoires de notifier les nouveaux génotypes à la banque OMS de souches rougeoleuses des *Centers for Disease Control and Prevention* (Etats-Unis) avant de soumettre des publications où ils sont proposés. C'est le seul moyen d'éviter une duplication des désignations des génotypes et la confusion dans la littérature. La notification des données du séquençage à la GenBank et la consultation des banques l'OMS de souche de virus rougeoleux de n'a pas de conséquence nuisible sur la publication ultérieure. Il est rappelé que les informations

www.fao.org/countryprofiles/iso3list.asp) in the WHO name for each viral isolate or sequence. ■

concernant les séquences doivent utiliser le code normalisé ISO3 pour désigner les pays (voir à l'adresse: <http://www.fao.org/countryprofiles/iso3list.asp>) dans le nom OMS de chaque isolément viral ou séquence. ■

Immunization maintains strong progress achieved in past quarter century

Millions more could be saved with new vaccines, stronger health systems

Immunization at the global level has progressed very well during the past 25 years, but further increases in coverage would save the lives of millions more who do not yet benefit from this protection, said a group of immunization partners at the World vaccine congress in Lyon, France.

This conclusion was drawn after an analysis of the latest global immunization data, published today. WHO¹ and UNICEF, with financial support from the United States Centers for Disease Control and Prevention, conduct world-wide monitoring and work closely with ministries of health to produce estimates of immunization coverage each year. The major findings are summarized as follows:

- Global immunization coverage with 3 doses of diphtheria-tetanus-pertussis vaccine (DTP3) has been sustained at 78% in 2004.²
- 102 countries have reached DTP3 coverage of 90% or more and 80 countries are within the 50–89% range. Ten countries — in Africa, Asia and Central America — have coverage levels below 50%.³
- There has been dramatic expansion in the use of hepatitis B and Haemophilus influenzae type b (Hib) vaccines; 153 countries now routinely vaccinate children with hepatitis B vaccine, up from 12 countries in 1990; 92 countries include Hib vaccine in their routine immunization systems, up from 4 countries in 1991.
- 27 million infants were not immunized with DTP3 in 2004, putting them at risk for life-threatening illnesses.⁴
- Five countries — China, India, Indonesia, Nigeria and Pakistan — each have more than 1 million unvaccinated children accounting for 16.3 million (more than 60%) of the world's 27 million unvaccinated children.⁵

The spectacular gains made in immunization in the 1980s have been sustained. This is the result of strong commitment of countries and partners, effective strategies and substantial financing. But, we can and must do better. Vaccines must be brought to the millions who are currently

Maintien des grands progrès de la vaccination depuis un quart de siècle

Des millions de vies supplémentaires pourraient être sauvées avec de nouveaux vaccins et en renforçant les systèmes de santé

Au niveau mondial, la vaccination a beaucoup progressé au cours des 25 dernières années, mais en augmentant encore la couverture, on pourrait sauver des millions de vies supplémentaires dans les populations qui ne bénéficient pas encore de cette protection. C'est ce qu'a établi un groupe de partenaires de la vaccination lors du Congrès mondial de la vaccination à Lyon (France).

Cette conclusion ressort de l'analyse des dernières données mondiales sur la vaccination, publiées aujourd'hui. L'OMS¹ et l'UNICEF ont fait, avec l'appui financier des *Centers for Disease Control and Prevention* (Etats-Unis) et en étroite collaboration avec les Ministères de la Santé, un contrôle mondial de la situation pour produire des estimations annuelles de la couverture vaccinale. La synthèse des principaux résultats est la suivante:

- La couverture mondiale de la vaccination par trois doses du vaccin antidiptérique-antitétanique-anticoquelucheux (DTC3) s'est maintenue à 78% en 2004.²
- La couverture par trois doses de DTC atteint ou dépasse 90% dans 102 pays et plus de 80 pays se situent dans la fourchette 50–89%. Dix pays — en Afrique, en Asie et en Amérique centrale — ont encore une couverture inférieure à 50%.³
- On a observé des progrès spectaculaires dans l'administration des vaccins contre l'hépatite B et contre Hemophilus influenzae type B (Hib). On compte désormais 153 pays qui vaccinent systématiquement les nourrissons contre l'hépatite B, contre 12 en 1990. Désormais, 92 pays intègrent le vaccin contre le Hib dans les programmes de vaccination systématique, contre seulement 4 en 1991.
- En 2004, 27 millions d'enfants n'ont pas été vaccinés par trois doses de DTC et sont, de ce fait, exposés au risque de contracter des maladies potentiellement mortelles.⁴
- Cinq pays, la Chine, l'Inde, l'Indonésie, le Nigéria et le Pakistan, comptent chacun plus d'un million d'enfants non vaccinés, le total représentant 16,3 millions des 27 millions d'enfants non vaccinés dans le monde (soit plus de 60%).⁵

Les progrès spectaculaires de la vaccination dans les années 80 se sont maintenus grâce à l'engagement ferme des pays et des partenaires, à des stratégies efficaces et à des financements importants. Cependant, il est possible de faire mieux. Il faut apporter les vaccins aux millions de personnes qui n'en bénéficient toujours pas et tout

¹ See <http://www.who.int/vaccines> for information on immunization.

² WHO and UNICEF routinely monitor national infant immunization coverage for protection against tuberculosis, diphtheria, tetanus, pertussis, polio, measles, hepatitis, and Haemophilus influenzae type b. DTP coverage is commonly used as the indicator vaccine for immunization system performance. In 1980, global immunization coverage with DTP3 was low at 20% and only about 30% of countries had a formal infant immunization system, but dramatic gains were made during the 1980s and these have been sustained until present, despite an increasing world population. Of the 124.6 million infants born in 2004 and surviving to their first year of life, more than 108 million received at least one vaccine and 95 million received BCG vaccine against tuberculosis, DTP3, oral polio and measles vaccines. 192 countries now have an infant immunization system.

³ The 10 countries are Central African Republic (40%), Equatorial Guinea (33%), Gabon (38%), Haiti (43%), Lao People's Democratic Republic (45%), Liberia (31%), Nigeria (25%), Papua New Guinea (46%), Somalia (30%), and Vanuatu (49%). In these 10 countries, 4.3 million children were unvaccinated in 2004.

⁴ The 27 million includes 11 million in south Asia, 9 million in sub-Saharan Africa and 3.9 million in east Asia and the Pacific.

⁵ India had 8.5 million, Nigeria 3.3 million, Pakistan 1.8 million, China 1.6 million and Indonesia 1.3 million unvaccinated children in 2004.

¹ Pour plus d'informations sur la vaccination, consulter <http://www.who.int/vaccines>.

² L'OMS et l'UNICEF contrôlent régulièrement les couvertures nationales de la vaccination chez le nourrisson pour les maladies suivantes: tuberculose, diphtérie, tétonas, coqueluche, hépatite et Haemophilus influenzae type B. On utilise couramment la couverture par le DTC comme indicateur des résultats des systèmes de vaccination. En 1980, la couverture mondiale de la vaccination par 3 doses de DTC n'était que de 20% et seulement 30% des pays environ disposaient d'un système officiel de vaccination des nourrissons. Des progrès spectaculaires ont été accomplis dans les années 80 et se sont maintenus jusqu'à présent, malgré l'accroissement de la population mondiale. Sur les 124,6 millions d'enfants nés en 2004 et en vie à leur premier anniversaire, plus de 108 millions ont reçu au moins un vaccin et 95 millions ont reçu le BCG (le vaccin contre la tuberculose), les trois doses de DTC, le vaccin antipoliomyélétique buccal et le vaccin antirougeoleux. Des systèmes de vaccination des nourrissons existent désormais dans 192 pays.

³ Il s'agit du Gabon (38%), de la Guinée équatoriale (33%), de Haïti (43%), du Libéria (31%), du Nigéria (25%), de la Papouasie-Nouvelle-Guinée (46%), de la République centrafricaine (40%), de la République démocratique populaire lao (45 %), de la Somalie (30 %) et du Vanuatu (49 %). En 2004, il y avait dans ces 10 pays 4,3 millions d'enfants qui n'avaient pas été vaccinés.

⁴ Parmi ces 27 millions d'enfants, on en recense 11 millions en Asie du Sud, 9 millions en Afrique subsaharienne et 3,9 millions en Asie orientale et dans le Pacifique.

⁵ En 2004, on comptait 8,5 millions d'enfants non vaccinés en Inde, 3,3 millions au Nigéria, 1,8 million au Pakistan, 1,6 million en Chine et 1,3 million en Indonésie.

unreached and all people must benefit from new, life-saving vaccines.

The estimated number of deaths in all age groups from diseases preventable by vaccines currently recommended by WHO, such as measles, hepatitis B, Hib, pertussis, tetanus and others, was 2.1 million in 2002, including 1.4 million children aged under 5 years.

In 2003 alone, immunization averted more than 2 million deaths from vaccine-preventable diseases. An additional 600 000 hepatitis B-related deaths that would otherwise have occurred in adulthood were also prevented. Historically, immunization is one of the greatest public health success stories ever: smallpox was eradicated in 1980, the global incidence of polio has been reduced by 99% and in just 5 years (1999–2003) global measles deaths have decreased by 39%, with a 46% reduction in Africa.

Immunization is at an exciting turning point. Unprecedented new resources for immunization are being made available through the International Finance Facility for Immunization (IFFIm)⁶ towards which a group of European countries committed nearly US\$ 4 billion last month.

IFFIm funding will enable scale up of immunization and introduce new vaccines to millions of the world's poorest children. Substantial funding to support health systems is needed if countries are going to expand access to the traditional vaccines and manage and deliver the new vaccines.

A revolution is expected in the next decade in the ways that vaccines are designed, manufactured, financed, delivered and administered. Major breakthroughs are occurring in vaccine development. About 20 new or improved vaccines are anticipated within the next 10 years.

Dramatic progress has been made in the development of several new vaccines for diseases that afflict children in developing countries — new vaccines that are capable of protecting the lives of even more children, said PATH.⁷ The challenge is to ensure that all children who could benefit from these vaccines will have access to them.

WHO and UNICEF have produced a new Global Immunization Vision and Strategy for 2006–2015 which aims to protect more people, of all age groups, against more diseases and sets a number of immunization goals. ■

⁶ The IFFIm and GAVI: the International Finance Facility for Immunization (IFFIm) will be implemented through the Global Alliance for Vaccines and Immunization (GAVI), an historic alliance of all the major stakeholders in immunization. Alliance members include a wide range of development partners: developing country and donor governments, WHO, UNICEF, the World Bank, the vaccine industry (from industrialized and developing countries), research and technical agencies, non-governmental organizations, the Bill & Melinda Gates Foundation, and the Vaccine Fund, the resource and financing arm of GAVI.

⁷ The Program for Appropriate Technology in Health (PATH), an international, non-profit organization, creates sustainable, culturally relevant solutions that enable communities worldwide to break longstanding cycles of poor health. By collaborating with diverse public- and private-sector partners, PATH helps provide appropriate health technologies and vital strategies that change the way people think and act. PATH's work improves global health and well-being. Visit <http://www.path.org> for more information about PATH.

le monde doit avoir accès aux nouveaux vaccins assurant une protection contre des maladies potentiellement mortelles.

Selon les estimations, le nombre des décès dus, dans toutes les tranches d'âge, à des maladies évitables par les vaccins recommandés actuellement par l'OMS, comme la rougeole, l'hépatite B, le Hib, la coqueluche, le tétanos et d'autres, était de 2,1 millions en 2002, dont 1,4 million d'enfants de moins de 5 ans.

En 2003 seulement, la vaccination a permis d'éviter plus de 2 millions de décès auxquels il faut rajouter 600 000 décès dus à l'hépatite B qui, sans le vaccin, se seraient produits à l'âge adulte. Du point de vue historique, la vaccination est l'un des plus grands succès de la santé publique: la variole a été éradiquée en 1980, l'incidence mondiale de la poliomélyélite a baissé de 99% et, en 5 ans seulement (1999–2003), le nombre des décès dus à la rougeole dans le monde a diminué de 39%, et même de 46% en Afrique.

La vaccination est arrivée à un tournant de son histoire. Elle bénéficie désormais de ressources sans précédent grâce au dispositif financier international pour la vaccination (IFFIm),⁶ auquel un groupe de pays européens a promis US \$4 milliards le mois dernier.

Les fonds de l'IFFIm permettront d'étendre la vaccination et d'introduire de nouveaux vaccins pour des millions d'enfants parmi les plus pauvres du monde. Comme l'a expliqué l'Alliance mondiale pour les vaccins et la vaccination (GAVI),⁶ il faut un soutien financier important pour appuyer les systèmes de santé si l'on veut que les pays développent d'une part l'accès aux vaccins traditionnels et, d'autre part, gèrent et délivrent les nouveaux vaccins.

Au cours des 10 prochaines années, on s'attend à une révolution dans la manière de concevoir, de fabriquer, de financer, de délivrer et d'administrer les nouveaux vaccins. Des avancées décisives se produisent dans le développement des vaccins et l'on prévoit une vingtaine de nouveaux vaccins ou de vaccins améliorés dans les 10 ans à venir.

Comme l'a rappelé PATH,⁷ une organisation non gouvernementale internationale, des progrès spectaculaires ont eu lieu dans la mise au point de plusieurs nouveaux vaccins contre des maladies touchant les enfants dans les pays en développement et encore plus de vies pourront être sauvées. Le défi que nous avons à relever, c'est de garantir l'accès à ces vaccins pour tous les enfants qui doivent pouvoir en bénéficier.

L'OMS et l'UNICEF ont établi une stratégie pour 2006 – 2015, intitulée «La vaccination dans le monde: vision et stratégie», qui vise à augmenter le nombre des personnes protégées, dans toutes les tranches d'âge, contre davantage de maladies et qui fixe un certain nombre de buts pour la vaccination. ■

⁶ L'IFFIm et l'Alliance mondiale pour les vaccins et la vaccination (GAVI). Le dispositif financier international pour la vaccination (IFFIm) sera mis en œuvre par l'Alliance mondiale pour les vaccins et la vaccination, alliance historique des principales parties intéressées. On compte parmi les membres de l'Alliance un grand nombre de partenaires du développement: pays en développement et gouvernements donateurs, l'OMS, l'UNICEF, la Banque mondiale, l'industrie du vaccin (dans les pays industrialisés comme dans ceux en développement), des instituts de recherche et des instituts techniques, des ONG, la Fondation Bill & Melinda Gates et le Fonds pour les vaccins, qui s'occupe, au sein de l'Alliance, des ressources et du financement.

⁷ Le Programme de technologie appropriée pour la santé (PATH), organisation non gouvernementale internationale, trouve des solutions durables et culturellement appropriées permettant aux communautés du monde entier de rompre le cycle de la mauvaise santé. En collaborant avec divers partenaires des secteurs public et privé, elle contribue à fournir les technologies sanitaires adaptées et des stratégies vitales pour modifier les façons d'agir et de penser. Son action améliore la santé et le bien-être à l'échelle mondiale. Pour en savoir plus sur PATH, consulter le site <http://www.path.org>.

INTERNATIONAL HEALTH REGULATIONS / RÈGLEMENT SANITAIRE INTERNATIONAL

Notifications of diseases received from 30 September to 6 October 2005 / Notifications de maladies reçues du 30 septembre au 6 octobre 2005

Cholera / Choléra

	Cases / Deaths Cas / Décès		Cases / Deaths Cas / Décès		Cases / Deaths Cas / Décès
Africa / Afrique					
Guinea-Bissau/ Guinée-Bissau	11-25.IX 2121	26	Niger	14.IX-02.X 65	4
Mauritania/Mauritanie	22-27.IX 290	0	Uganda/Ouganda	01.I-25.IX 3741	70
Americas / Amériques					
United States/Etats-Unis				26.VII-02.VIII 2(i)	0
Imported case (i) – Cas importé (i)					